

9 (I) Histoire naturelle d'un virus zoonotique en mode insulaire : cas de la propagation du virus grippal pandémique H1N1p 2009 à La Réunion

Auteurs : **Cardinale Eric**, Pascalis H. (1,2), Temmam S. (1,3), Dsouli N. (1,2), Turpin M. (1,2), Rollot O. (4), Favier F. (4), Flahault A. (5), Carrat F. (6), De Lamballerie X. (7), Dellagi K. (1,2)

Institutions : 1. CRVOI, Site du Cyroi, 2 rue Maxime Rivière, 97490 Ste Clotilde 2. Institut de Recherche pour le Développement (IRD)

3. Ecologie microbienne (UMR 5557) CNRS-Université de Lyon, Lyon, France 4. Centre d'Investigation Clinique-Epidémiologie Clinique (CIC-EC) de La Réunion (INSERM / CHR / Université/ URMLR), Centre Hospitalier Régional, Saint-Pierre, La Réunion 5. Ecole des Hautes Etudes en Santé Publique, EHESP, Rennes-Sorbonne Paris Cité 6. Epidémiologie des Maladies Infectieuses et Modélisation (UMR-S 707), INSERM-Université Pierre et Marie Curie, Paris, France 7. Unité des Virus Emergents (UMR-S 190), IRD-Université de la Méditerranée, Marseille, France, eric.cardinale@cirad.fr

En mars 2009, un nouveau virus Influenza A a émergé au Mexique et aux Etats-Unis, caractérisé par une combinaison de segments génomiques d'origines humaine, porcine et aviaire. La diffusion très rapide de ce virus au reste du monde a spécifié la 1ère pandémie grippale du 21ème siècle. Le 1er cas confirmé à La Réunion, chez un voyageur en provenance d'Australie, date du 5 juillet 2009. Dès le 21 Juillet 2009, date du premier cas à transmission indigène rapporté par La CIRE-Réunion-Mayotte, le CRVOI et le CIC-EC de La Réunion ont lancé une enquête prospective en cohorte populationnelle, le programme CoPanFlu-Run. Son objectif est de décrire l'histoire naturelle de l'infection en population générale ainsi que mesurer les paramètres épidémiologiques, virologiques et sociologiques de l'épidémie. L'étude sérologique a révélé que La Réunion a été fortement impactée par l'épidémie grippale, surtout chez les enfants d'âge scolaire : près de 63% des moins de 20 ans ont séroconverti, un peu moins de 40% pour la tranche d'âge 20-59 ans, et 16,7% pour les plus de 60 ans. Comparés à l'estimation de la CIRE-Réunion-Mayotte qui annonce un taux d'attaque de 12.5% de formes symptomatiques ayant eu recours aux services sanitaires, ces résultats montrent la grande diffusion de l'épidémie sous forme peu ou pas symptomatique et sa grande bénignité à l'échelle communautaire. Notre étude montre par ailleurs que les taux d'anticorps au 1/40 cross réactants avec le virus pandémique présents éventuellement avant le passage épidémique protègent contre la séroconversion. L'étude virologique, a permis de détecter le virus pandémique dans les prélèvements nasaux de 71 individus dont la plupart étaient symptomatiques. Elle a en outre mis en évidence l'existence d'une co-circulation d'autres virus respiratoires (essentiellement rhinovirus et coronavirus) en population générale avant, pendant, et après le passage de la vague épidémique. Le séquençage de 28 souches de virus H1N1p 2009 détectées au sein de notre cohorte réunionnaise, a permis leur analyse phylogénétique. Les souches réunionnaises, bien qu'issues du clade 7 au niveau mondial, dans lequel, on retrouve les souches indiennes, australiennes et japonaises, forment un clade à part entière. Par ailleurs, il semble que l'origine des souches analysées n'est vraisemblablement pas australienne comme supposée au départ de l'épidémie, et qu'au moins 2 introductions concomitantes se sont produites à La Réunion. La première datant du 26 juin 2009, c'est-à-dire, 1 mois avant la datation de la circulation virale active estimée par la CIRE, et la seconde datant du 8 juillet 2009. Finalement, une fois que la vague épidémique en population s'est éteinte en moins de 9 semaines, l'étude du cheptel porcin a montré un passage substantiel chez l'animal qui se maintient jusqu'à ce jour. (Eric Cardinale)